### .

### [SEQ ID NO:2]

-	MLNLENKTYV	MLNLENKTYV IMGIANKRSI AFGVAKVLDQ LGAKLVFTYR KERSRKELEK	AFGVAKVLDQ	LGAKLVFTYR	KERSRKELEK
51	LLEQLNQPEA	LLEQLNQPEA HLYQIDVQSD EEVINGFEQI GKDVGNIDGV YHSIAFANME	EEVINGFEQI	GKDVGNIDGV	YHSIAFANME
101	DLRGRFSETS	DLRGRFSETS REGFLLAQDI SSYSLTIVAH EAKKLMPEGG SIVATTYLGG	SSYSLTIVAH	EAKKLMPEGG	SIVATTYLGG
151		EFAVQNYNVM GVAKASLEAN VKYLALDLGP DNIRVNAISA GPIRTLSAKG	VKYLALDLGP	DNIRVNAISA	GPIRTLSAKG
201	VGGFNTILKE	VGGFNTILKE IEERAPLKRN VDQVEVGKTA AYLLSDLSSG VTGENIHVDS	VDQVEVGKTA	AYLLSDLSSG	VTGENIHVDS
751	251 GEHALTK				•

## FIG. I

#### 2/3

## [SEQ ID NO:1]

1	ATGTTAAATC	TTGAAAACAA	ATGTTAAATC TTGAAAACAA AACATATGTC ATCATGGGAA TCGCTAATAA	ATCATGGGAA	TCGCTAATAA
51	GCGTAGTATT GCTTTTGGTG TCGCTAAAGT TTTAGATCAA TTAGGTGCTA	SCTTTTGGTG 1	rcgctaaagt i	TTAGATCAA T	TAGGTGCTA
101	AATTAGTATT	TACTTACCGT	AATTAGTATT TACTTACCGT AAAGAACGTA GCCGTAAAGA GCTTGAAAAA	GCCGTAAAGA	GCTTGAAAAA
151	TTATTAGAAC	AATTAAATCA	TTATTAGAAC AATTAAATCA ACCAGAAGCG CACTTATATC AAATTGATGT	CACTTATATC	AAATTGATGT
201	TCAAAGCGAT	GAAGAGGTTA	TCAAAGCGAT GAAGAGGTTA TTAATGGTTT TGAGCAAATT GGTAAAGATG	TGAGCAAATT	GGTAAAGATG
251	TTGGCAATAT	TGATGGTGTA	TIGGCAATAT IGAIGGIGIA IAICAIICAA ICGCAIIIGC IAAIAIGGAA	TCGCATTTGC	TAATATGGAA
301	GACTTACGCG		GACGCTTTTC TGAAACTTCA CGTGAAGGCT TCTTGTTAGC	CGTGAAGGCT	TCTTGTTAGC
351	TCAAGACATT	AGTICTTACT	TCAAGACAIT AGIICITACI CAITAACAAI IGIGGCICAI GAAGCIAAAA	TGTGGCTCAT	GAAGCTAAAA
401	AATTAATGCC	AGAAGGTGGT	AATTAATGCC AGAAGGTGGT AGCATTGTTG CAACAACATA TTTAGGTGGC	CAACAACATA	TTTAGGTGGC
451	GAATTCGCAG	TTCAAAATTA	GAATICGCAG ITCAAAAITA IAAIGIGAIG GGIGIIGCIA AAGCGAGCII	GGTGTTGCTA	AAGCGAGCTT
501	AGAAGCAAAT	AGAAGCAAAT GTTAAATATT	TAGCATTAGA CTTAGGTCCT GATAATATTC	CTTAGGTCCT	GATAATATTC

# FIG. 2

3/3

		<b>A</b>	CAATTAAATA	'51 GGATTCCACG CAATTAAATA A	51
TGTAGATAGC	AAAATATTCA	GTTACAGGTG	ATCAAGTGGC	01 TAAGTGACTT ATCAAGTGGC GTTACAGGTG AAAATATTCA TGTAGATAGC	101
GCTTACTTRT	TAAAACAGCG	TAGAAGTAGG	GTTGATCAAG	51 AAAACGTAAC GTTGATCAAG TAGAAGTAGG TAAAACAGCG GCTTACTTRT	121
GIGCACCITT	ATCGAAGAGC	TCTTAAAGAA	TCAATACAAT	01 GTGGGTGGTT TCAATACAAT TCTTAAAGAA ATCGAAGAGC GTGCACCTTT	101
TGCAAAAGGT	GTACATTAAG	GGTCCAATCC	AATTTCAGCT	51 GCGTTAATGC AATTTCAGCT GGTCCAATCC GTACATTAAG TGCAAAAGGT	51

TETHI THEGET